

となる分布調査方法の開発が急務であった。

分布調査の新方式（ブロック分割定点調査法）の概要は以下の通りである。調査区域を500m四方のブロックに区分けし、各々のブロックの中に一点、ブロック全体の状況が把握できる定点を定め調査者を配置する。調査者はトランシーバで連絡をとり、群れの広がりや、同時に発見されている他集団との関連をつかむ。

1990年8月2日から8月8日にわたって屋久島の西部林道地域、9.75km²の調査を行った。この地域の一部では、長期研究により隣接する群れの行動域が把握されている。定点の調査者はサルの観察の未経験者がほとんどであった。資料は、まだ分析中であるが、直接追跡された群れの動きを、定点の調査者がどれだけ把握できていたか。また、既知の群れ数をこの方法によってどれだけ把握できたかを検討し、この方法の信頼性について若干の検討をくわえる。直接追跡された群れの動きを30分毎に区切ると、その位置の65%は、1点ないし2点の定点から捕捉された。また、群れの分布がわかっている半山地域（3km²）では、10から12群の発見がみこまれるが、この地域での2日に渡る定点調査によって9群が確認された。各々の定点からの群れの捕捉率はかなり低い、それを集計し群れの数を検討するとほぼ実数に近い数がでてくるようだ。今後、群れの捕捉率に影響している要因の分析を行い、この方法の信頼性や、でてきた群れ数の補正の仕方を詳しく検討していく予定である。

計画2-5:

ヤクザルの糞分析による上部域・下部域における食性の比較研究

大竹 勝（日本モンキーセンター）
長井三郎（屋久島産業文化研究所）

ヤクザルの野生群における高度差による食性の違いを明らかにするために、1988年より3年間上部域と下部域において定期的に糞の収集を行い、水洗乾燥して実体顕微鏡で分析を行った。秋には上部域においては群れの分布及び食性の観察調査を行った。上部域は黒味林道1000~1200m付近、下部域は瀬切、川原の西部林道で調査を行った。

上部域の糞内容は繊維質が年間を通じて比率が高く、樹木の枝先と葉が多くササの葉も少量認め

られた。針葉樹の葉が少量認められたが、出現状況から外部付着の可能性が高い。種子は夏のホウロクイチゴの最盛期以外は比率が高くない。量は多くないがタイミンタチバナは秋から春まで長期にわたって検出された。ヒサカキは秋から冬にかけて検出した。種子で同定したのは12科17種であった。キノコは冬から春の種子が少ない時期に比率が高い。昆虫は夏から秋にかけて比率が高く甲虫類とアリ類が多い。他の動物質のものではカタツムリ類クモ類、ヤスデ類、サワガニが検出された。直接観察で、スギゴケの胞子裏の採食と有毒きのこのニガクリタケの採食を観察したが糞分析では確認できなかった。

下部域では年間種子の比率が高く、種類も多く同定した種子は19科32種と多い。量として多いのがアコウ、イヌビワ、ハゼ、アカメガシワ、シマサルナシ、タイミンタチバナであるが、上部域のように種類が限定されないで複数の種類が含まれる。いね科種子及び類が多く検出されたが未同定である。キノコも検出したがあまり多くはない。昆虫は上部に比して少ないが年間を通じて検出した。秋に直翅目のバッタ類の断片が多く検出されたのはいね科植物とともに、草の多い林道同辺での採食と関連が深いことを示している。昆虫類はいずれも断片で種の同定に至っていない。他の動物質ではヤスデが少量検出されたがクモ、カタツムリ、サワガニは認められなかった。

上部では樹木の葉や枝先を主として、果実、キノコ、昆虫、クモなどを採食しているが、下部では種子の占める割合が非常に高く、葉などの繊維質は多くない。種子の上下共通種は6種類しか認められなかった。

課 題 3

計画3-1:

チンパンジーの体毛による父子判定

高崎浩幸（京都大・アフリカ地域研究センター）

複数の繁殖オスがいる場合、行動解析だけでは、父親の判定は推定の域を出ない。したがって繁殖成功度の研究には遺伝物質を裏付けとした父子判定が不可欠である。血液などの採取が可能な種には、DNAフィンガープリンティング法が適用できるが、捕獲が実際上不可能な種では、ほかの方

法を開発しなければならない。本研究は、野生状態のチンパンジーから採取可能な生物標本として体毛（のちに食物のしがみかすも）をとりあげ、父子判定を目標として、DNAの抽出とPCR法によるDNAの増幅を試みたものである。

西部タンザニアの野生チンパンジー数個体からセルフグルーミングのあとで拾い集めた体毛、および霊長類研究所の父子関係のわかっている個体の体毛を実験に用い、それが十分に可能であることを確認した。

体毛の保存は、1年程度なら乾燥標本でよい（三角紙などに入れる）。

しかし、体毛を拾い集めるという手法では、他個体の体毛の混入の可能性を排除することができない。そこで、他個体の生物標本の採取の可能性をほぼ排除でき、しかも野生状態で個体別に採取できるものとして、食物としてしがんだあとにはき出す植物の繊維質に着目した。

飼育個体にサトウキビをあたえ、そのしがみかすに口腔内上皮細胞がまじってはき出されること、およびそれからDNAが抽出できることを確認した。体毛と同様に、PCR法による増幅ののち、父子判定にも使える。しがみかすは、(1)量を集めやすいことと(2)抽出されるDNAの劣化の度合いが格段に小さいという2つの利点をもつ。

しがみかすの保存には、最終エタノール濃度が50%以上になるように無水エタノールを加えて、密閉できる容器に入れておく。DNAの劣化をおさえるために、最終濃度1mMになる程度のEDTAを添加することが望ましいが、なければなしでよい。アルコールは、メタノールでもよいだろう。この保存法は、筋肉片など、DNA抽出を目的とした他の組織標本にも同様に適用できる。

PCR法で増幅する父子判定用のDNA領域には、個体差の現われやすいVNTR領域をえらぶ。

計画3-2:

ニホンザル雌の繁殖戦略

光永総子（京都大・霊長研）

雌の性行動は内分泌学的動態、特に性線ステロイドホルモンの影響下にあるといわれ、対雄交渉の頻度やパターンを論ずるに際しては、個々の雌の生殖生理学的状態の把握が必要不可欠である。

京都大学霊長類研究所内の複雄複雌ニホンザル放飼グループ（若桜グループ）を対象とし、末梢血中ステロイドホルモン濃度測定による卵巢機能、排卵、妊娠等の生理状態のモニタリングを行い、性行動と照合した。今回は妊娠した雌（ $n=11$ ）についての分析を試み、以下の結果が得られた。なお全個体が、その交尾期の初回排卵で受胎したため非妊娠性月経周期の繰り返しはなかった。

交尾：卵胞期に出現し、排卵とよく同調していた。排卵までの血中エストラジオール動態は、どの個体もほぼ同様であったが、射精出現頻度は非授乳経産雌、未經産雌、授乳中の経産雌の順に高かった。排卵後は黄体由来のプロゲステロン量の増減パターンや、同ホルモンの主分泌が胎盤に切り替わるまでの時期、再度減少するまでの時間に個体差が認められ、これが排卵後および着床後の交尾の出現と対応していることが示唆された。

過度の性的活性の表出：非授乳雌で、排卵の前後と妊娠7～9週に持続的なエストラスコールが高頻度で出現し、これらは、グリメイス・grimace、ヘッドダッキング・head-ducking、体の平伏、痙攣状の動き、物体や相手をつかむ行動・grasping等を伴っていた。エストラスコールと時期を同じくして、非授乳雌で交尾相手の雄へのマウンティングが見られた。また授乳雌を含む6個体に、排卵前後に集中して雌同志のマウンティングやボノボの性器こすりに似た行動が観察された。

以上のように同一個体内での性行動の経時変化は基本的に生殖生理学的状態の変化に伴っていることがわかった。今後、更にこれらを修飾する要因を検討するため、より深い生理学および行動学的解析が必要である。

計画3-3:

父子判定にもとづくニホンザルの行動解析

井上美穂（京都大・霊長研）

本研究では、これまで多型を示す遺伝マーカーが少ないために判別が不可能であったニホンザルの父子関係をDNAの多型により判定し、これによって今まで不明だったオスの繁殖史を明らかにすることを目的としている。霊長類研究所放飼場のニホンザル若桜グループにおいて、1974年から1988年に生まれた子ども48頭の父子判定を行った。